

UN ALGORITMO GENETICO SIMPLE PARA LA OPTIMIZACION DE ESTRUCTURAS PLANAS ARTICULADAS

MIGUEL GALANTE

*Centro de Aplicaciones Numéricas en Ingeniería,
Univ. de Las Palmas de Gran Canaria, Tafira Baja,
35017 Las Palmas de Gran Canaria, España.*

RESUMEN

La mecánica natural darwiniana de supervivencia de los seres mejor adaptados, puede ser aplicada a la resolución de diferentes problemas de optimización en ingeniería y otros campos. En este trabajo se ha desarrollado un algoritmo genético simple para ser utilizado en la optimización en peso de estructuras articuladas planas. Mediante la asimilación de estructuras a cromosomas representados por cadenas binarias y partiendo de una población generada aleatoriamente, se efectúan los procesos naturales de selección, cruce y mutación. Se evoluciona así, generación tras generación, hacia el mejor adaptado; o sea, la estructura óptima.

El método, como la propia naturaleza, es discreto y encaja directamente en la vida real donde para optimizar una estructura se dispone de unos determinados tipos de viga. El código realizado en Fortran y ejecutable en PC, se evalúa con varios ejemplos resueltos por otros autores, obteniéndose excelentes resultados. Al final se presenta la optimización real de una estructura supuesto sólo se puede trabajar con los tipos de secciones disponibles en el mercado.

SUMMARY

The survival of the fittest darwinian natural process, can be used to solve optimization problems in engineering and other fields. In this paper a Simple Genetic Algorithm has been developed to optimize plane truss with stress constraints in the bars and displacement constraints in the joints. Truss is represented by a bit string (chromosome), so we start with a chromosome population created at random. This population is then evaluated and the three transformation operators-selection, cross and mutation are applied to get a new population. The process is repeated until the best chromosome is obtained.

As in nature, the method is not continuum, and is therefore suitable to be applied to real trusses which are built with commercially available bars. The Fortran code which runs on a compatible PC, is successfully evaluated solving several trusses also optimized by other authors using different methods.

Recibido: Diciembre 1992

INTRODUCCION

La impresionante y capacidad de cálculo de los ordenadores actuales y su continuo crecimiento, permiten realizar en un período razonable de tiempo la optimización de problemas ingenieriles imitando a la naturaleza que a lo largo de millones de años y generación tras generación hace sobrevivir al mejor adaptado.

En este trabajo, se ha desarrollado un Algoritmo Genético Simple para minimizar el peso de estructuras hiperestáticas articuladas, no permitiéndose que las tensiones de las barras sobrepasen determinados valores de tracción y compresión, ni que los desplazamientos de los nudos sean superiores a una cantidad prefijada.

Los Algoritmos Genéticos tratan de optimizar imitando el comportamiento natural; su aplicación en ingeniería se debe a los trabajos de Goldberg¹⁻³, y muy recientemente han aparecido algunas optimizaciones estructurales por este método⁴⁻⁵. Sin embargo su desarrollo en el campo de la bioquímica se inició en la década de los 60 donde un grupo de biólogos⁶⁻⁹ utilizó los computadores digitales para realizar simulaciones genéticas; a partir de este momento empiezan a aparecer trabajos cercanos a los algoritmos genéticos¹⁰⁻¹⁵; pero fue John Holland¹⁶, quien en 1975 integró y elaboró sus dos fundamentos básicos: la capacidad de una representación simple (cadenas de bits) para mostrar estructuras complejas y la potencia de simples transformaciones para mejorar tales estructuras. Holland observó, a través de su Teorema de los Esquemas o Teorema Fundamental de los Algoritmos Genéticos que con el conveniente control de la estructura, aparecen rápidas mejoras en las cadenas de bits como sucede en las poblaciones de animales.

Para resolver un problema con un Algoritmo Genético debemos concretar¹⁷:

- 1.- La representación cromosomal de la población.
- 2.- La forma de crear una población inicial.
- 3.- Una función de evaluación que interprete la acción del medio ambiente sobre cada uno de los individuos de la población.
- 4.- Los operadores genéticos (cruce, mutación, etc.) que alteren la composición de los hijos.
- 5.- La evaluación de los parámetros de control (tamaño de la población, probabilidad de reproducción, etc.).

El esquema usual aplicable a una población $P(t)$ se muestra en la Figura 1:

```

programa AG
DO t=0, limite
  Si t=0 genera aleatoriamente P(t)
  Si t<>0 genera P(t) desde P(t-1)
  Evalua P(t)
End DO
End

```

Figura 1. Esquema de un Algoritmo Genético.

Para el trabajo que aquí se desarrolla, se ha necesitado:

- 1.- La utilización de un código de análisis, del que se extrae información para la obtención de la función de evaluación.
- 2.- La creación de una función de penalización del peso de las estructuras que no cumplan con los vínculos impuestos.
- 3.- La creación de una función de mérito que maximice la mejor estructura.
- 4.- La normalización de la función de mérito para mantener el proceso generacional con eficiencia en la búsqueda del óptimo.
- 5.- La creación de un programa que utilizando como datos de entrada una población de cromosomas y su función de mérito cree una población-hijo mediante las operaciones de "selección", "cruce" y "mutación" controladas mediante "parámetros" probabilísticos y procesos aleatorios.

La evaluación del procedimiento se ha comprobado a través de la optimización de las siguientes estructuras cuyas soluciones obtenidas por otros autores se conoce:

- a.- Estructura de 10 barras con restricciones en tensiones.
- b.- Estructura anterior añadiéndole restricciones en desplazamientos.
- c.- Estructura puente de 20 barras con dos condiciones de cargas.
- d.- Estructura de 49 barras con 3 condiciones de carga.
- e.- Se presenta aquí la optimización de la estructura de 49 barras anterior empleando en el análisis como genes o únicos tipos de barras los perfiles soldados en doble L fabricados por Ensidesa y recomendados por la Norma NBE 102 y Norma UNE 36-531-72.

ESTRUCTURAS ARTICULADAS O CROMOSOMAS

En la estructura articulada a minimizar en peso, se suponen definidas las condiciones de carga y topología, por tanto son sus secciones de barras los parámetros variables a optimizar.

Supuesto que en la estructura de n barras hay p tipos diferentes, el estado que define la estructura en código decimal está formado por una matriz fila de p elementos, representando cada valor la sección de viga del tipo correspondiente:

$$\text{estructura} = \langle a_1 a_2 \cdots a_i \cdots a_p \rangle \quad (1)$$

donde:

a_i = área de la barra tipo i

p = número de tipos de barras

Si se representa el área de cada tipo por su código binario correspondiente de n_b bits, se transforma (1) en un cromosoma de longitud $l = pn_b$:

$$\text{cromosoma} \langle 1001110 \cdots 00111010 \rangle \quad (2)$$

y el espacio de búsqueda lo constituyen 2^l cromosomas.

TEOREMA FUNDAMENTAL O DE LOS ESQUEMAS

Los algoritmos genéticos basados en la mecánica natural con una aleatoriedad condicionada en sus procesos, converge rápidamente hacia la estructura óptima habiendo examinado sólo una pequeñísima fracción de individuos del espacio de búsqueda.

Como un simple ejemplo demostrativo, supongamos individuos o cromosomas de 40 bits de longitud. En general se consigue la convergencia con una población de 100 individuos y analizando unas 50 generaciones. Esto supone examinar $100 \times 50 = 5000$ individuos de una población de $2^{40} = 1.00995 \times 10^{12}$, lo que equivale a escoger un individuo en una población de 220 millones y resultar que éste es el mejor.

Nuestro sentido común parece decirnos que esto es imposible, pero la naturaleza funciona así, ¿dónde está pues la potencia de los algoritmos genéticos?; John Holland¹⁸⁻²⁰, expuso el teorema fundamental de los AG, basado en la presencia de un proceso paralelo implícito que se realiza simultáneamente al proceso natural y que exponencialmente generación tras generación va seleccionando los "esquemas" mejor adaptados para determinar el individuo óptimo.

Se define un "esquema" por una cadena formada por la terna de símbolos $\{0, 1, *\}$. El signo $*$ es una especie de comodín y en la posición donde aparece puede ir un 0 o un 1; así por ejemplo:

$$S = \langle 1 * * 0 * \rangle \quad (3)$$

es un esquema donde todos los cromosomas que en la primera posición tengan un 1 y en la cuarta un 0, lo contienen.

En una cadena de longitud l , el número de individuos es 2^l , sin embargo el número de esquemas es muy superior: 3^l . Por ejemplo, individuos de 8 bits hay $2^8 = 256$ y esquemas $3^8 = 6561$

Si en una población $A(t)$, de n individuos y una probabilidad de selección p_s , hay $m(H, t)$ individuos que contienen el esquema H , en la siguiente generación habrá:

$$m(H, t + 1) = m(H, t)np_s \quad (4)$$

De acuerdo con su valor de mérito, la probabilidad de selección es:

$$p_s = \frac{f(H)}{\sum f_j} \quad (5)$$

donde $f(H)$ es el valor numérico del mérito del esquema H obtenido como media de los méritos de los individuos que lo contienen. Sustituyendo en (4):

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \frac{f(H)}{f_m} \quad (6)$$

siendo f_m el mérito medio de la población. Si expresamos:

$$f(H) = f_m + cf_m \quad (7)$$

podemos escribir (6) como:

$$m(H, t + 1) = m(H, t)(1 + c) \quad (8)$$

y si partimos de la población inicial:

$$m(H, t) = m(H, 0)(1 + c)^t \quad (9)$$

que indica que los individuos con esquemas de mérito superior al valor medio crecen exponencialmente ($c > 0$) y los individuos con esquemas de mérito inferior ($c < 0$) decrecen también exponencialmente.

En un esquema existen dos parámetros que lo definen: el orden del esquema, $o(H)$, que es el número de dígitos fijos que tienen, y la longitud, $\delta(H)$ que es la diferencia entre la posición del último dígito fijo y el primero.

En la operación de cruce de dos cromosomas, aleatoriamente se elige una posición de cruce y las subcadenas desde el origen de esta posición se intercambian entre ambos cromosomas. La posibilidad de que sea roto el esquema debido al cruce es:

$$\frac{\delta(H)}{l - 1} \quad (10)$$

siendo $l-1$ el número de posibles posiciones de corte que tiene un cromosoma de longitud l . Si la probabilidad de cruce es p_c , la probabilidad de que se rompa el esquema es:

$$p_c \frac{\delta(H)}{l - 1} \quad (11)$$

y la probabilidad de supervivencia es:

$$p_s \geq 1 - p_c \frac{\delta(H)}{l - 1} \quad (12)$$

Si la probabilidad de mutación de un bit es p_m , la probabilidad de que sobreviva es $1 - p_m$. En un esquema el número de bits que hay es $o(H)$, así que la probabilidad de que sobrevivan todos es:

$$(1 - p_m)^{o(H)} \approx 1 - p_m o(H) \quad (13)$$

ya que $p_m \ll 1$, en general del orden de 0.001. Así que la probabilidad de supervivencia del esquema después del cruce y mutación es:

$$p_s \geq 1 - p_c \frac{\delta(H)}{l - 1} - p_m o(H) \quad (14)$$

Al paso de una generación, el número de individuos con el esquema H es:

$$m(H, t + 1) = m(H, t)(1 + c)p_s \quad (15)$$

sustituyendo p_s por el valor obtenido y tomando como origen de partida la generación inicial:

$$m(H, t) \geq m(H, 0) \left[(1 + c) \left(1 - p_c \frac{\delta(H)}{l-1} - p_m o(H) \right) \right]^t \quad (16)$$

Expresión del Teorema General de los Algoritmos Genéticos que muestra que los esquemas de alto valor de mérito, corta longitud y bajo orden, llamados “bloques de construcción”, crecen exponencialmente, mientras que los que no tienen estas características decrecen también exponencialmente. Así que independientemente del carácter aleatorio condicionado o probabilístico de los procesos naturales se converge exponencialmente hacia el óptimo que se va formando exclusivamente con los “bloques de construcción”.

FUNCION DE MERITO

El criterio de transformación de la población $P(t)$ en la población $P(t+1)$ se fundamenta en el valor del mérito $m_i(t)$ asignado a los individuos $p_i(t)$ ($i = 1, 2, \dots, n$).

El objetivo que se persigue es la optimización en peso de estructuras articuladas, por lo que su escalar evaluador es:

$$\text{peso}(i) = \sum_j p_j A_j L_j \quad (17)$$

donde:

- i = índice del cromosoma
- p = peso específico
- A = área de la barra
- L = longitud de la barra
- j = índice de la barra

En este trabajo se han considerado restricciones de tensiones en las barras y desplazamientos de nudos:

$$\begin{aligned} \sigma_{max} &\geq \sigma_j \geq \sigma_{min} \\ u_{max} &\geq u_k \geq u_{min} \\ v_{max} &\geq v_k \geq v_{min} \end{aligned} \quad (18)$$

donde:

- σ_j = tensión de la barra j
- u_k = desplazamiento según OX del nudo k
- v_k = desplazamiento según OY del nudo k

Las circunstancias de que una estructura no cumpla con las restricciones prefijadas perturba a su evaluación. El sistema más utilizado consiste en penalizar el peso, incrementándolo en función de las variaciones sobre los valores admisibles:

$$\text{peso penalizado } (i) = \sum_j p_j A_j L_j + \mu |\Delta \sigma_j|^2 + \lambda |\Delta u_k|^2 + \eta |\Delta v_k|^2 \quad (19)$$

donde:

$\Delta \sigma$ = incremento de la tensión sobre los valores admisibles

Δu = incremento sobre los valores admisibles del desplazamiento según OX

Δv = incremento sobre los valores admisibles del desplazamiento según OY

Los parámetros λ , μ , y η se eligen de forma que establezcan una correspondencia entre un incremento en tensión o desplazamiento sobre valores admisibles y el correspondiente incremento en peso del cromosoma. Un valor adecuado de los parámetros se obtiene estableciendo una correspondencia 10-10 o próxima.

Elegir el peso penalizado como valor de mérito es considerar como mejor estructura la de menor mérito. En general se busca lo contrario en AG, para lo cual el primer paso es transformar un problema de minimización en uno de maximización de alguna utilidad o beneficio. En general, en los problemas normales de búsqueda para transformar una minimización en una maximización se elige²¹:

$$\begin{aligned} h(x) &= \text{Cte} - g(x) \\ \text{si } h(x) < 0 &\longrightarrow h(x) = 0 \\ \text{Cte} &= \text{Constante grande} \end{aligned} \quad (20)$$

Se ha observado y comprobado en este trabajo que la utilización de la transformación (20) distorsiona la evaluación de los individuos de la población, no manteniendo el mérito relativo impuesto entre ellos por el peso penalizado. En efecto:

$$\frac{h(x_1)}{h(x_2)} = \frac{\text{Cte} - \text{peso penalizado}(x_1)}{\text{Cte} - \text{peso penalizado}(x_2)} \longrightarrow 1 \quad (21)$$

esto hace desde un principio a los individuos de casi igual mérito, lo que conlleva que la posterior selección de los mejores sea falseada, no consiguiéndose con el paso de las generaciones el individuo óptimo.

Para este trabajo se ha elegido como función maximizante y mérito:

$$h(i) = \frac{\text{Cte}}{\text{peso penalizado}(i)} \quad (22)$$

que mantiene el valor relativo del peso penalizado como evaluador. Para la constante se puede tomar o un valor muy grande o en cada generación coincidente con el mayor peso penalizado.

Goldberg²¹ observó en los procesos con AG que debido al carácter aleatorio de la población inicial, existe en ella, unos pocos individuos que dominan el proceso de selección, saturando la población e impidiendo alcanzar el óptimo. Este efecto se refleja numéricamente por la presencia de unos pocos individuos de altos méritos, cercanos al

valor máximo (h_{\max}), siendo sin embargo el mérito medio de la población muy bajo. Conviene realizar una escalación o normalización del mérito. Golberg aconseja para resolver esta situación, que se mantenga una relación entre el mérito máximo y medio de valor 2 o próximo a él.

Supuesta superada la primera etapa, ocurre que en generaciones avanzadas la competencia entre los individuos es muy fuerte. O sea, los cromosomas de la población tienen méritos muy altos, lo que acerca el valor del mérito medio al máximo, volviendo a dificultarse el proceso de selección hacia el mejor. De nuevo el consejo es escalar o normalizar para mantener el cociente entre el mérito máximo y medio de valor 2 o próximo a él. En este trabajo se ha normalizado la primera etapa mediante una escalación lineal de la función de mérito:

$$f = ah + b \quad (23)$$

a y b se determinan bajo las condiciones de mantener el valor medio del mérito y la relación del valor máximo al medio fija.

Para la segunda etapa se ha realizado una variante de la doble transformación de Forrest²² iniciada con una traslación:

$$f = h - (h_{\text{med}} - \alpha\sigma) \quad (24)$$

donde σ es la desviación típica y α se elige de forma que se mantenga la relación entre el valor máximo y medio. Cuando esto no es posible a continuación se realiza una escalación lineal similar a la anterior.

SELECCION, CRUCE Y MUTACION

La operación de reproducción consiste en seleccionar dos padres de la población $P(t)$. La probabilidad de selección de un individuo es:

$$p_{\text{select}_i} = \frac{f_i}{\sum f_j} \quad (25)$$

y el número de veces esperado que puede hacer de padre es:

$$n_i = p_{\text{select}_i} \times n = \frac{f_i}{f_{\text{med}}} \quad (26)$$

así el mejor cromosoma hará más veces de padre que el peor.

Existen diferentes formas de realizar la selección. Brindle²¹ examinó seis esquemas diferentes. En este trabajo se ha elegido el modelo estocástico basado en la distribución de Bernouilli. El carácter aleatorio se incluye en las operaciones de transformación mediante los parámetros de probabilidad de cruce y probabilidad de mutación, así como en la aleatoriedad del punto de cruce y la posición del bit a mutar.

Una vez seleccionados dos padres en función de las posibilidades de cruce pasarán directamente a formar parte de la nueva población o se cruzarán. La operación de cruce de dos padres para formar dos hijos consiste en lo siguiente: Si tenemos dos cadenas

de n bits cada uno; se elige aleatoriamente un número k en el intervalo $(1, n - 1)$ y se crean dos hijos intercambiando las cadenas comprendidas entre 1 y k inclusive. Sean los padres:

$$\begin{aligned} \text{padre 1} &= < a_1 a_2 a_3 a_4 a_5 a_6 a_7 a_8 a_9 a_{10} > \\ \text{padre 2} &= < b_1 b_2 b_3 b_4 b_5 b_6 b_7 b_8 b_9 b_{10} > \end{aligned} \quad (27)$$

a_i y b_i representan 0 o 1. Supuesto se obtiene aleatoriamente $k = 6$; de la operación de cruce se obtienen los dos hijos:

$$\begin{aligned} \text{hijo 1} &= < b_1 b_2 b_3 b_4 b_5 b_6 a_7 a_8 a_9 a_{10} > \\ \text{hijo 2} &= < a_1 a_2 a_3 a_4 a_5 a_6 b_7 b_8 b_9 b_{10} > \end{aligned} \quad (28)$$

El último paso de las operaciones de transformación lo constituye el proceso de mutación que consiste en elegir aleatoriamente un número k del intervalo $(0, n - 1)$, y si a la posición k del cromosoma le corresponde un 1 se coloca un 0 y viceversa. La mutación aumenta las posibilidades de ampliar el espacio de búsqueda a zonas que de otra manera quedarían ocultas. Al igual que en la operación de cruce existe un parámetro que regula la posibilidad de mutación de los cromosomas.

ESQUEMA BLOQUE DEL CODIGO GENETICO

Para la optimización de estructuras articuladas todo lo aquí reflejado se ha traducido en la creación de un programa en fortran 77 que generación tras generación busca el óptimo. El esquema general viene representado en la Figura 2.

```

programa AEG
do t = 0, limite
  if (t = 0)
    Genera aleatoriamente P(0)
  else
    Crea P(t) desde P(t - 1) y f(t - 1)
  end if
  do i = 1, nindividuos
    decodifica i
    analiza i
    evalua i
  end do
  Calcula y normaliza el mérito f(t)
end do
end

```

Figura 2. Esquema general de optimización de estructuras por AG

Se observan tres etapas bien diferenciadas:

1. De creación de la nueva población $P(t)$ a partir de la vieja población $P(t-1)$, mediante los procesos de selección basados en el mérito normalizado $f(t-1)$ y los de cruce y mutación de los seleccionados de acuerdo con unos parámetros de probabilidades fijados.
2. De cálculo de las estructuras i que forman la población. Consta de una primera fase de decodificación de la cadena de bits a valores numéricos decimales necesarios para el análisis; del análisis en sí y el cálculo del peso penalizado o función de evaluación $h(i)$.
3. De cálculo de la función de mérito de la población y posterior normalización.

EVALUACION DEL METODO UTILIZADO

Para evaluar el sistema de optimización desarrollado sobre la base de un Algoritmo Genético Simple, se presentan varios ejemplos de estructuras articuladas, optimizadas por otros autores a través de métodos continuos con los que se comparan resultados. Superada la etapa de evaluación, se hace aplicación del método a un caso real de una estructura que se ha de construir y donde las posibilidades de vigas son las disponibles en el mercado en ese momento.

Estructura de 10 barras con restricciones en tensiones

En la Figura 3 se representa una estructura de 10 barras cargadas en los nudos 2 y 4, y con las siguientes características:

material:	aluminio
tensión máxima:	25000 psi (tracción y compresión)
módulo de elasticidad:	$10(10)^6$ psi
peso específico:	0.1 Lb/in ³

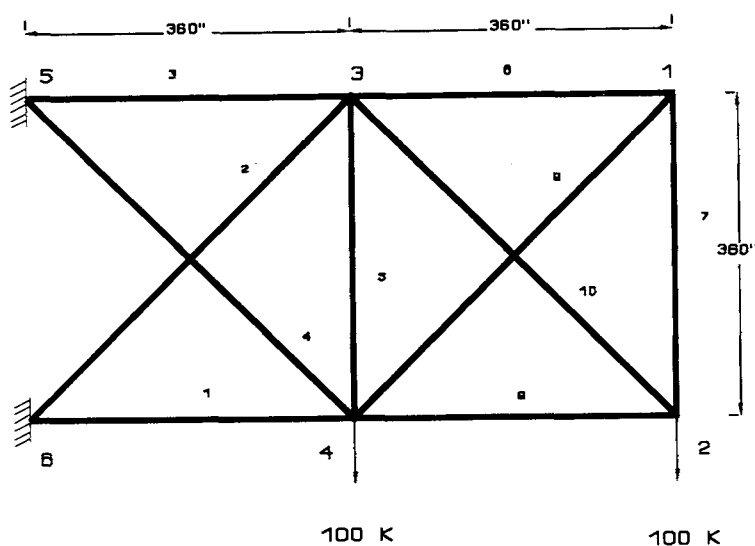


Figura 3. Estructura de 10 barras.

El objetivo es optimizar el peso cumpliendo con la restricción de tensión máxima. Se conoce la solución óptima exacta que es de 1593 Lbs., calculada por el método del gradiente²⁴.

Para este análisis y de acuerdo con las sugerencias de De Jons¹⁵ se tomó:

$$\begin{aligned} p_{\text{cruce}} &= 0.8 \\ p_{\text{mutación}} &= 0.005 \\ n_{\text{individuos}} &= 200 \end{aligned}$$

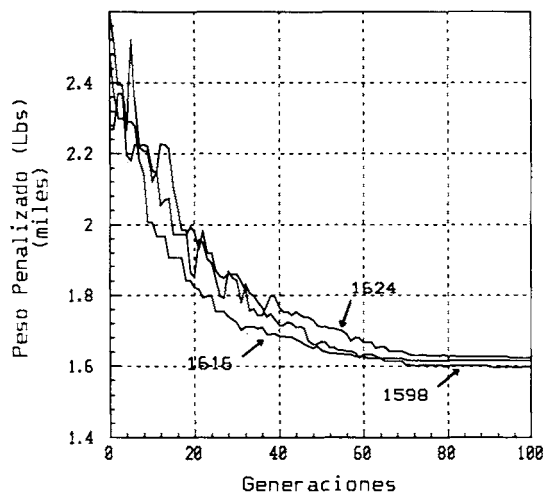


Figura 4. Mejor estructura-10-barras en cada generación.

Debido al carácter discreto de los Algoritmos Genéticos (como la propia naturaleza) se ha tomado 8 bits por característica, lo que permite seleccionar entre $2^8 = 256$ tipos de áreas comprendidas entre 0.1 pulg², haciendo así el proceso comparable con métodos determinísticos continuos.

El hecho de que la población inicial se genere aleatoriamente hace que la convergencia hacia la mejor solución en un tiempo razonable, varíe ligeramente. Este problema se ejecutó 10 veces, y la mejor estructura alcanzada en cada ocasión oscila entre 1598.33 (la mejor de todas con 0.3 % de error) y 1624.89 (la peor con 1.8 % de error). En la Figura 4 se ha representado el peso penalizado del mejor individuo de cada generación para tres ejecuciones diferentes (1598, 1616 y 1624). Se observa una estabilización en la convergencia a partir de la generación 70.

En la Figura 5 aparecen las áreas de las secciones de las barras para la solución óptima ideal y la alcanzada en este trabajo. Se puede observar una cuasi exacta solución.

En la Figura 6 se evalúan los módulos de las tensiones obtenidas con la solución óptima ideal y la conseguida en este trabajo. Se observa que incluso, si cabe, el AG obtiene mejor solución, ya que el sobrepasar en menos de 0.1 % las tensiones máximas en las barras 2, 2, 3, 4, 8 y 10, efecto despreciable en un planteamiento ingenieril del problema, hace que las otras barras trabajen más cerca de la tensión máxima de

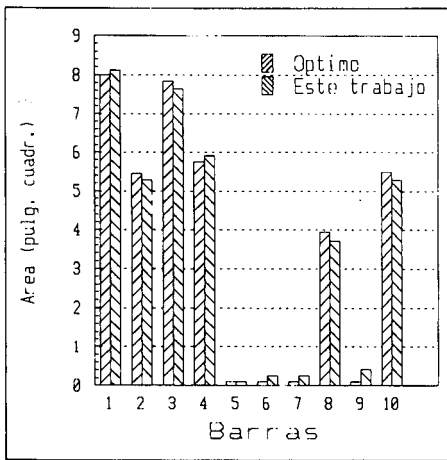


Figura 5. Comparación de áreas.

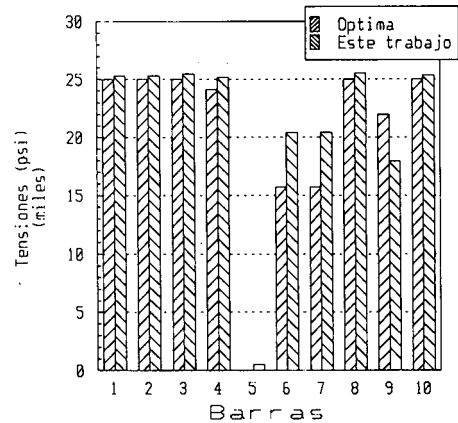


Figura 6. Comparación de tensiones.

trabajo. El tiempo de ejecución en un ordenador PC 386 compatible ha sido de 3 minutos 4 segundos.

Estructura de 10 barras con restricciones en tensiones y desplazamientos

El problema anterior ha sido optimizado añadiéndole restricciones de desplazamientos consistente en limitar el máximo desplazamiento vertical de los nudos 1 y 2 a dos pulgadas. El coeficiente de penalización del desplazamiento vertical de dichos nudos (19) se ha elegido de forma que un 10 % de exceso de desplazamiento sobre el admisible penalice la estructura un 10 % en peso.

Se ha mantenido el número de individuos de la población y los valores de probabilidad de cruce y mutación empleado en el ejemplo anterior. El área de las barras se ha hecho variar entre 0.1 y 40 pulg², por lo que se ha aumentado el número de bits por características a 10, que equivale a $2^{10} = 1024$ tipos de secciones disponibles para cada barra.

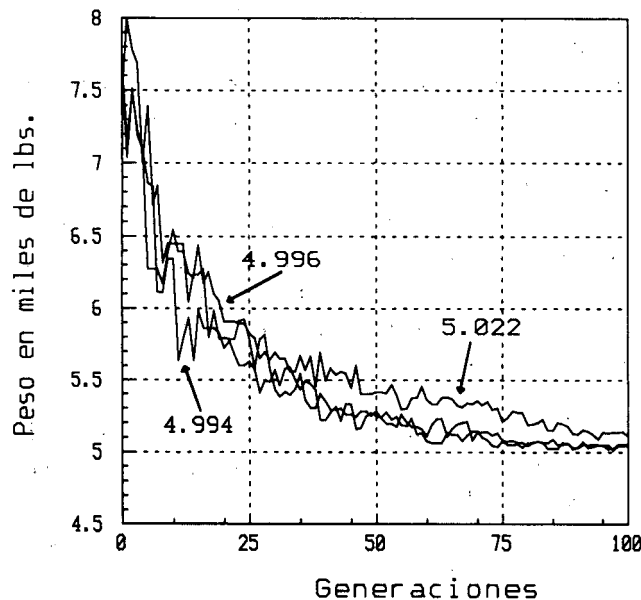


Figura 7. Mejor estructura-10-barras en cada generación.

Se ha ejecutado el programa tres veces obteniendo como estructuras óptimas 4994 lbs., 4996 lbs. y 5022 lbs., Adeli²⁵ obtuvo como mejor estructura 5052 lbs. En la Figura 7 se representan para cada generación la mejor estructura conseguida en las tres ejecuciones realizadas. El tiempo de ejecución para cada ejecución en PC 386 compatible ha sido de 4 minutos 46 segundos. Los resultados obtenidos en este trabajo comparados con los obtenidos por Adeli²⁵ y siete autores más²⁴⁻³⁰ aparecen en la Tabla I.

Barra	Ref. 24 <i>pulg²</i>	Ref. 26 <i>pulg²</i>	Ref. 27 <i>pulg²</i>	Ref. 28 <i>pulg²</i>	Ref. 28 <i>pulg²</i>	Ref. 29 <i>pulg²</i>	Ref. 30 <i>pulg²</i>	Ref. 25 <i>pulg²</i>	Este Trabajo <i>pulg²</i>
1	23.41	20.03	24.26	23.76	23.97	24.17	23.97	24.65	21.79
2	14.90	15.60	14.26	14.59	14.73	14.81	14.70	15.39	14.26
3	0.10	0.24	0.10	0.10	0.36	0.41	0.10	0.10	0.451
4	0.13	0.10	0.10	0.10	0.37	0.10	0.10	0.10	0.10
5	30.42	31.35	33.43	30.67	30.37	30.98	30.79	31.28	30.44
6	0.10	0.14	0.10	0.10	0.10	0.10	0.10	0.10	0.10
7	21.28	22.21	20.74	21.07	21.11	21.05	20.95	21.53	21.63
8	8.70	8.35	8.39	8.58	8.55	7.55	7.53	7.90	7.628
9	0.19	0.10	0.10	0.10	0.32	0.10	0.10	0.10	0.10
10	21.08	22.06	19.69	20.96	20.77	20.94	20.80	19.07	21.36
Peso Lbs	5085	5112	5089	5077	5107	5067	5077	5052	4996

Tabla I. Secciones de la estructura de 10 de barras.

Estructura-puente de 25 barras

En la Figura 8 se muestra una estructura de 25 barras con las siguientes características:

$$\text{Módulo de elasticidad} = 10 (10)^6 \text{ psi}$$

$$\text{Peso específico} = 0.1 \text{ lb/in}^3$$

Condición de carga 1:

$$P_1 = - 40.000 \text{ lbs.}$$

$$P_3 = - 50.000 \text{ lbs.}$$

$$P_5 = - 45.000 \text{ lbs.}$$

$$P_2 = - 45.000 \text{ lbs.}$$

$$P_4 = - 45.000 \text{ lbs.}$$

Condición de carga 2:

$$P_1 = - 50.000 \text{ lbs.}$$

$$P_3 = - 10.000 \text{ lbs.}$$

$$P_5 = - 60.000 \text{ lbs.}$$

$$P_2 = - 50.000 \text{ lbs.}$$

$$P_4 = - 60.000 \text{ lbs.}$$

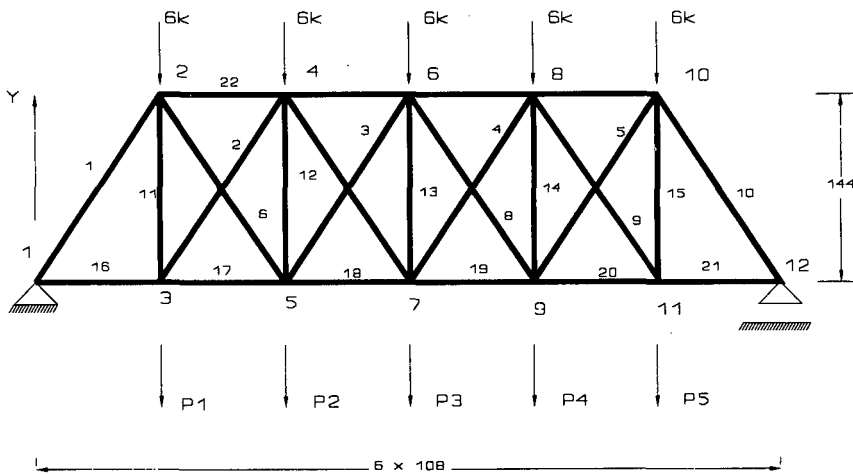


Figura 8. Estructura-puente.

Las tensiones permisibles para las barras son de 20.000 lbs a tracción para todos los miembros, 18.000 lbs a compresión para todos los miembros de la cuerda superior e inferior de la estructura y 15.000 lbs en compresión para las otras barras. El desplazamiento vertical de los nudos 7 y 9 está restringido a 1.8 pulgadas y las secciones de las barras tienen un área mínima de 0.1 pulg² y máxima de 15 pulg².

Debido a la simetría de la configuración topológica, la estructura se construye simétrica con respecto a las áreas de las secciones de las barras, agrupándose en 13 diferentes tipos.

Para la probabilidad de cruce y mutación se mantienen los valores de los ejemplos anteriores, así como también el número de individuos de la población. Se ha tomado 8 bits por característica, lo que permite seleccionar entre 256 secciones diferentes, teniendo el cromosoma una longitud de $8 \times 13 = 104$ bits. Debido a la existencia de 2 condiciones de carga se ha aplicado el algoritmo genético en dos fases. En una primera se ha optimizado la estructura-puente para la condición de carga 2, se ha ejecutado el código tres veces y se ha seleccionado la mejor. La evolución del mejor cromosoma generación tras generación se observa en la Figura 9 (Fase I), teniendo el mejor individuo un peso de 1683 lbs. Se han realizado 100 generaciones, pudiendo observarse que la solución óptima se estabiliza a partir de la 75.

En una segunda fase se vuelve a ejecutar el proceso genético con la condición de carga 1, pero ahora se elige como área mínima posible de cada barra la alcanzada por el individuo óptimo en la fase I. Se ha ejecutado el AG tres veces, seleccionándose la mejor que obtiene como individuo óptimo la estructura-puente de 1991 lbs.

El tiempo de cada ejecución en un PC 386 compatible ha sido de 8 minutos y 46 segundos.

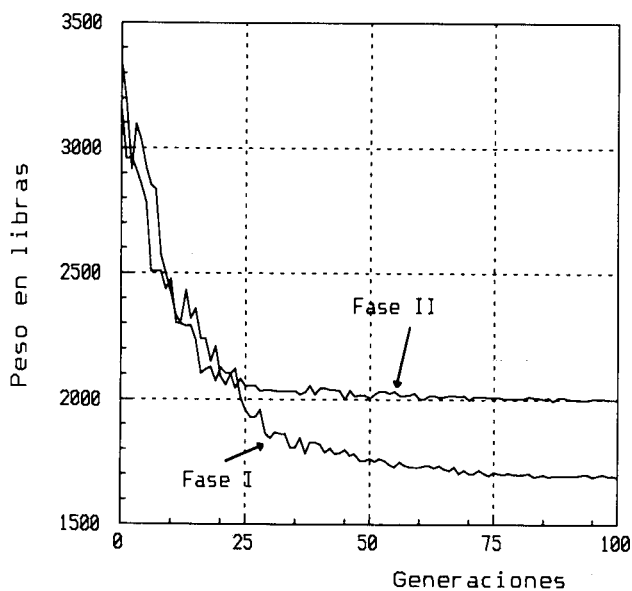


Figura 9. Mejor estructura-puente en cada generación.

En la Tabla II se muestran los valores de las secciones obtenidas en este trabajo y los presentados por Adeli²⁵.

Tipo	barras	Ref. 25-Area (pulg ²)	Este Trabajo-Area (pulg ²)
1	1,10	11.2500	10.87
2	2,9	4.8349	4.719
3	3,8	0.6287	0.4122
4	5,8	3.5938	3.846
5	4,7	3.6328	4.178
6	11,15	5.2191	5.464
7	12,14	0.1000	0.100
8	13	0.7252	0.100
9	16,21	5.8108	5.732
10	17,20	9.7531	8.483
11	18,19	12.8471	10.24
12	22,25	8.0209	7.689
13	23,24	14.9699	13.17
Peso Lbs		2135.76	1991

Tabla II. Secciones de la estructura-puente.

Estructura-pórtico de 49 barras

La estructura articulada de 49 barras mostrada en la Figura 10 ha sido resuelta por Khot y Berke³¹ y Adeli²⁵. La estructura se encuentra sometida a tres casos de carga. Como primero, se consideran las cargas horizontales mostradas en la Figura 10. Para el segundo, la estructura se encuentra de nuevo sometida a cargas horizontales pero de sentido contrario (de derecha a izquierda). El tercer caso incluye sólo las cargas verticales mostradas en la Figura 10. El material tiene las siguientes características:

módulo de elasticidad = $30(10)^6$ psi

peso específico = 0.268 lb/in^3

tensión máxima = 50000 psi (tracción y compresión)

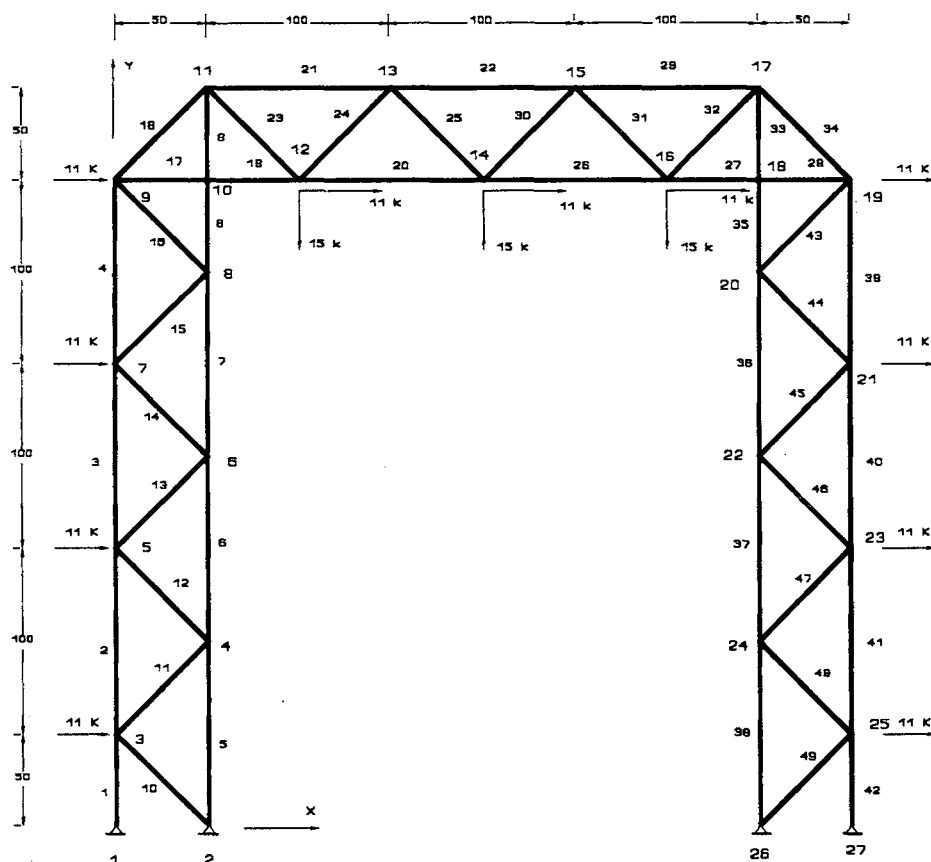


Figura 10. Estructura-pórtico.

No se han introducido restricciones de desplazamientos en los nodos de la estructura, mientras que las secciones de las barras no se ha permitido que sean inferiores a 0.1 in^2 .

La simetría de la configuración topológica, requiere la igualdad de áreas de sección en los miembros simétricos, esto agrupa las barras en 25 tipos diferentes (ver Tabla 3).

Se han mantenido los parámetros de probabilidad de cruce y mutación, pero el número de bits por característica se ha elevado a 8, lo que dimensiona la longitud del cromosoma de $25 \times 8 = 200$ bits, siendo por tanto el espacio de búsqueda de 2^{200} individuos; por ello se ha aumentado la población a 400 y se ha ideado la siguiente estrategia:

Se ha realizado dos fases; en la primera se ha buscado la mejor estructura con las condiciones de carga correspondientes al primer caso, que abarca el segundo por simetría y se ha descompuesto en dos partes. En la primera se ha ejecutado el problema hasta que la convergencia se estabiliza; así la Figura 11, Fase Ia); a continuación se ha vuelto a optimizar pero limitado el espacio de búsqueda a un entorno próximo del óptimo anterior: se observa en la Figura 11, Fase Ib) que en esta segunda parte, el algoritmo genético oscila al principio para partir de la generación 90 iniciar una convergencia hacia el óptimo, alcanzando una estructura de 1156 lbs. en peso que mejora la situación anterior. A continuación se ha realizado la segunda fase, consiguiéndose una estructura de 1181 lbs. que mejorara la solución de Adeli²⁵ que es de 1234.87 lbs..

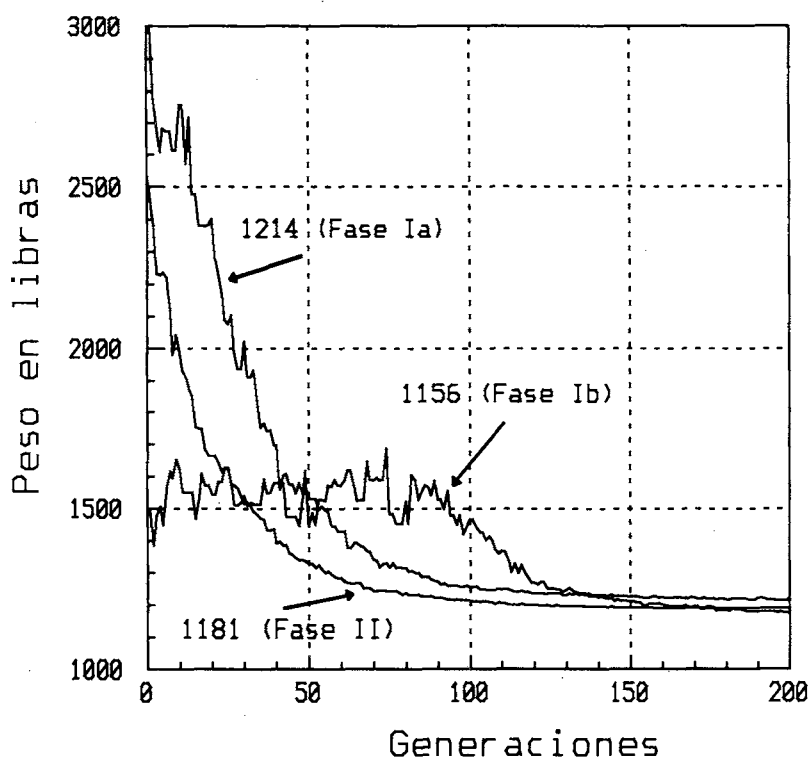


Figura 11. Mejor estructura-pórtico en cada generación.

En la Tabla 3 se muestran las secciones determinadas con el AG comparadas con las obtenidas por el anterior autor citado. El tiempo para cada ejecución en un PC 386 ha sido de 50 min. 31 seg. y en una estación VAX 5100 de 14 min. 48 seg.

Tipo	barras	Area-Ref. 25 (<i>pulg</i> ²)	Este Trabajo con simulación (<i>pulg</i> ²)	Este trabajo con vigas reales Ensidesa
1	1,42	5.1872	4.589	2L80 × 10
2	2,41	2.9872	2.925	2L60 × 8
3	3,40	1.2272	1.024	2L35 × 5
4	4,39	0.1000	0.2306	2L20 × 4
5	5,38	3.7630	3.328	2L70 × 8
6	6,37	1.7830	1.531	2L50 × 5
7	7,36	0.3544	0.3324	2L20 × 3
8	8,35	0.8570	1.054	2L35 × 5
9	9,33	0.8570	0.9345	2L40 × 4
10	10,49	1.7112	1.556	2L45 × 6
11	11,48	1.4001	1.305	2L50 × 5
12	12,47	1.4001	1.578	2L45 × 6
13	13,46	1.0889	1.292	2L40 × 5
14	14,45	1.0889	1.054	2L35 × 5
15	15,44	0.7778	0.7259	2L35 × 4
16	16,43	0.7778	0.8027	2L35 × 4
17	17,28	0.9728	1.013	2L45 × 4
18	18,34	0.9090	1.010	2L40 × 5
19	19,27	0.9728	1.010	2L45 × 4
20	20,26	0.3243	0.3824	2L20 × 4
21	21,29	0.4285	0.4706	2L30 × 3
22	22	0.5928	0.5263	2L20 × 3
23	23,32	0.6364	0.5675	2L20 × 3
24	24,31	0.3030	0.3259	2L20 × 3
25	25,30	0.3030	0.3365	2L20 × 3
Peso Lbs		1234.87	1188.08	1202.54

Tabla III. Secciones de la estructura-pórtico.

Estructura-pórtico de 49 barras con vigas reales

Se ha optimizado la estructura del ejemplo anterior utilizando 32 vigas de perfil laminado soldadas en doble L, fabricadas por Ensidesa y comprendidas entre la tipo 2L20 × 30 y la 2L80 × 12. Al poder tomar el gene 32 valores, se ha diseñado de 5 bits

y al tener el cromosomas 25 genes, su longitud es de 125 bits.

La estrategia seguida es idéntica a la del ejemplo anterior y en la Figura 12 se presenta la mejor de 3 ejecuciones, consiguiéndose un peso óptimo de 1216 lbs, que mejora la solución de Adeli, empleando sólo las vigas que hay en el mercado. Los valores de las secciones en perfiles doble L se presentan en la última columna de la Tabla 3. El tiempo de ejecución en PC 386 ha sido de 44 min. 26 seg. y en una estación VAX 5100 de 13 min. 1 seg.

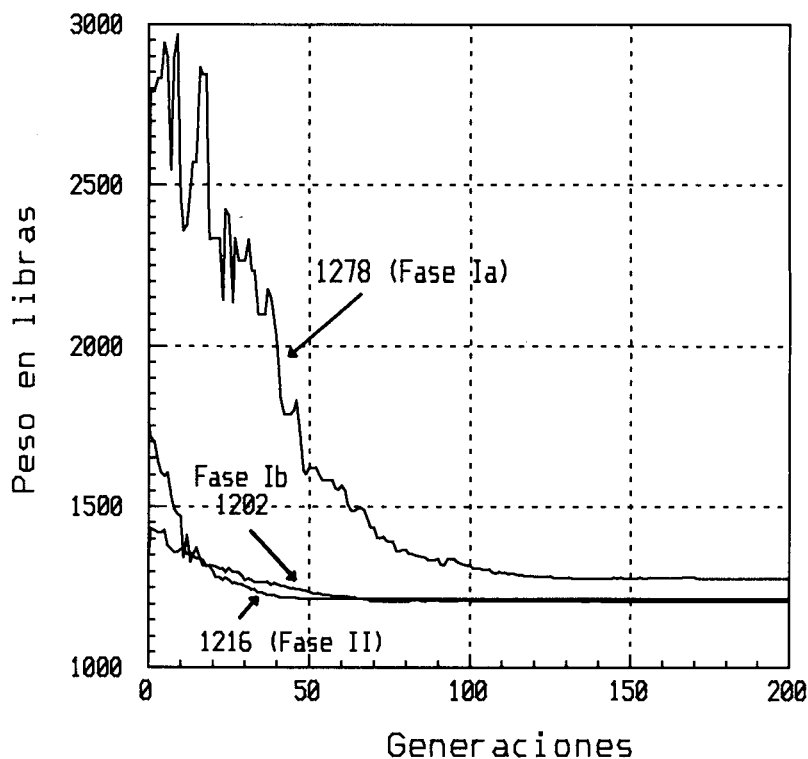


Figura 12. Mejor estructura-pórtico real en cada generación.

CONCLUSIONES

El Algoritmo Genético se presenta como un método robusto en el campo de la ingeniería, ya que su sistema de búsqueda partiendo de un conjunto de puntos no de uno sólo como en otros métodos y mediante los operadores de selección, cruce y mutación de la mecánica natural, le permiten resolver tanto problemas unimodales, como multimodales o de múltiples máximos.

Su impresionante capacidad de búsqueda del mejor dentro de una inmensa población con el solo conocimiento del valor escalar que representa el mérito del individuo, se debe al incremento exponencial de los "esquemas" cortos y de bajo grado asociados con altas funciones de mérito que constituyen los "bloques" de construcción del cromosoma óptimo.

Actualmente en problemas unimodales, los métodos basados en el cálculo (gradiente, etc.) son más rápidos en alcanzar el único óptimo. No obstante con el empleo de computadores con múltiples CPU que permitan examinar los individuos de cada generación a la vez, reducirán los tiempos de ejecución drásticamente.

REFERENCIAS

1. D.E. Goldberg, "Computer-aided Gas Pipeline Operation Using Genetic Algorithm and Rule Learning", *Doctoral Dissertation*, University of Michigan, Dissertation Abstracts International, Vol. 44, no.10, (1983).
2. D.E. Goldberg y C.H. Kuo, "Genetic Algorithms in Pipeline Optimization", *Journal of Computer in Civil Engineering*, Vol. 1, no. 2, pp. 128-141, (1987).
3. D.E. Goldberg y M.P. Santani, "Engineering Optimization via Genetic Algorithm", *Proceeding of the Ninth Conference on Electronic Computation*, ASCE, New York, N.Y., pp. 471-482, (1986).
4. G. Sved, L.J. Schmid y A.R. Simpson. "Minimum Weight Structures designed by Genetic Algorithms", *Computational Mechanic*, Cheung, Lee & Leung (eds.), pp. 317-322, (1991).
5. S.Rajeev y C.S.Krishnamoorthy. "Discrete Optimization of Structures using Genetic Algorithm", *Journal of Structural Engineering*, Vol. 118, no. 5, pp. 1233-1250, (1992).
6. N.A. Barricelli, "Symbiogenetic Evolution Processes Realized by Artificial Methods", *Methodos*, Vol. 9, nos. 35-36, pp. 143-182, (1957).
7. N.A. Barricelli, "Numerical Testing of Evolution Theries", *Acta Biotheorica*, Vol. 16, pp. 69-126, (1962).
8. A.S. Fraser, "Simulation of Genetic Systems", *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 2, pp. 329-346, (1962).
9. F.G. Martin y C.C. Cockerham, "High Speed Selection Study", *Biotermincal Genetics*, O. Kempthorne (Ed.), pp. 35-45, London, Pergamon Press, (1960).
10. J.D. Bagley, "The Behavior of Adaptive Systems which Employ Genetic and Correlation Algorithms", *Doctoral Dissertation*, University of Michigan, Dissertetation Abstracts International, Vol. 28, no. 12, (1967).
11. R.S. Rosemberg, "Simulation of Genetic populations with Biomechanical Properties", *Doctoral Dissertation*, University ofMichigan , Abstract International, Vol. 28, no. 7, (1967).
12. R. Weimberg, "Computer Simulation of a Living Cell" *Doctoral Dissertation*, University of Michigan, Dissertations Abstracts International, Vol. 31, no. 9, (1970).
13. R.B. Hollstein, "Artificial Genetic Adaptation in Computer Control Systems", *Doctoral Dissertation*, University of Michigan, Dissertation Abstracts International, Vol. 32, no. 3, (1971).
14. D.J. Cavichio, "Reproductive Adaptive Plans", *Proceeding of the ACM 1972 Annual Conference*, Vol. 1, no. 11, (1972).
15. K.A. DeJong, "An Analysis of the Behavior of a class of Genetic Adaptive Systems", *Ph.D. Dissertation*, University of Michigan, Ann Arbor, (1975).
16. J.H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial", University of Michigan Press, (1975).
17. L. Davis, "Genetic Algorithms and Simulated Annealing", Pitman, London, (1987).
18. J.H. Holland, "Processing and Processors for Schemata", "Associative information processing", E.L. Jacks (Ed), pp. 127-146, New York: American Elsevier, (1971).

19. J. Holland, "Genetic Algorithms and the Optimal Allocations of Trials". SIAM, *of Computing*, Vol. 2, no. 2, pp. 88-105, (1973).
20. J.H. Holland, "Schemata and Intrinsically parallel Adaptation", *Proceeding of the NSF Workshop of Learning System Theory and its Applications*, pp. 43-46, Gainesville, University of Florida, (1973).
21. D.E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley Publishing Company, Inc., (1989).
22. S. Forrest, "A study of parallelism in the classifier system and its application to classification in KL-ONE semantic networks", Unpublished doctoral dissertation. University of Michigan. Ann Arbor, (1985).
23. A. Brindle, "Genetic Algorithms for Function Optimization", Unpublished Doctoral Dissertation, University of Alberta, Edmonton, (1981).
24. V.R. Venkaya, "Desing of Optimun Structures", *Computers and Structures*, Vol. 1, pp. 265-309, (1971).
25. A. Adeli y O. Kamal, "Efficient Optimization of plane trusses", *Adv. Eng. Software*, Vol. 13, pp. 116-122, (1991).
26. R.A. Gellatly, L. Berke y W. Gibson, "The use of optimality criteria in automated structural design", AFDL, *Proceeding of 3rd Conference on Matrix Methods in Structural Analysis*, (1971).
27. L.A. Schmit y B. Farshi, "Some approximation concepts in structural synthesis", *AIAA Journal*, Vol. 12, pp. 692-699, (1974).
28. L.A. Schmit y H. Miura, "A new structural analysis/synthesis capability: ACCESS 1", *AIAA Journal*, Vol. 14, pp. 661-671, (1976).
29. M.R. Khan, K.D. Willmert y W.A. Thornton, "An optimality criterion method for large-scale structures", *AIAA Journal*, Vol. 17, no. 19, (1979).
30. N.H. Chao, S.J. Fenves y A.W. Westerberg, "Application of reduced quadratic proqraming technique to optimal structure design", *"New Directions in Optimal Structural Design/84"*, E. Atrek, R.H. Gallagher, K.M. Radgsdell y O.C.Zienkiewics (eds.), John Wiley and Sons, (1984).
31. N.S. Khot y L. Berke, "Structural optimization using optimality criteria methods", *"New Directions in Optimun Structural Design/84"*, E. Atrek, R.H. Gallagher, K.M. Radgsdell y O.C. Zienkiewicz (eds.), John Wiley and Sons, (1984).